

Оценка скорости изменения численности структурных генов липидной группы на основе анализа полных геномов, представленных в NCBI

Научные руководители:

Дмитрий Анатольевич Складнев
Анна Владимировна Желтова

Ведущая организация:

Федеральный исследовательский
центр «Фундаментальной основы
биотехнологии» РАН

Семёнова Влада
СУНЦ МГУ

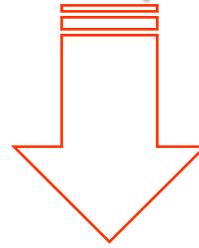
Москва- 2017

Code	Description
J	Translation
A	RNA processing and modification
K	Transcription
L	Replication, recombination and repair
B	Chromatin structure and dynamics
D	Cell cycle control, mitosis and meiosis
Y	Nuclear structure
V	Defense mechanisms
T	Signal transduction mechanisms
M	Cell wall/membrane biogenesis
N	Cell motility
Z	Cytoskeleton
W	Extracellular structures
U	Intracellular trafficking and secretion
O	Posttranslational modification, protein turnover, chaperones
C	Energy production and conversion
G	Carbohydrate transport and metabolism
E	Amino acid transport and metabolism
F	Nucleotide transport and metabolism
H	Coenzyme transport and metabolism
I	Lipid transport and metabolism
P	Inorganic ion transport and metabolism
Q	Secondary metabolites biosynthesis, transport and catabolism
R	General function prediction only
S	Function unknown

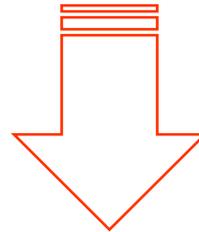
Общепринятая
классификация типов
генов (NCBI),
используемая в рамках
исследования

Почему липидная группа?

из липидов состоят мембраны клеток и органелл



в липидный бислой могут встраиваться различные липиды



с усложнением организма увеличивается количество генов
липидной группы

Выдвигаемая гипотеза:

рост числа генов напрямую зависит от
эволюционной продвинутости видов

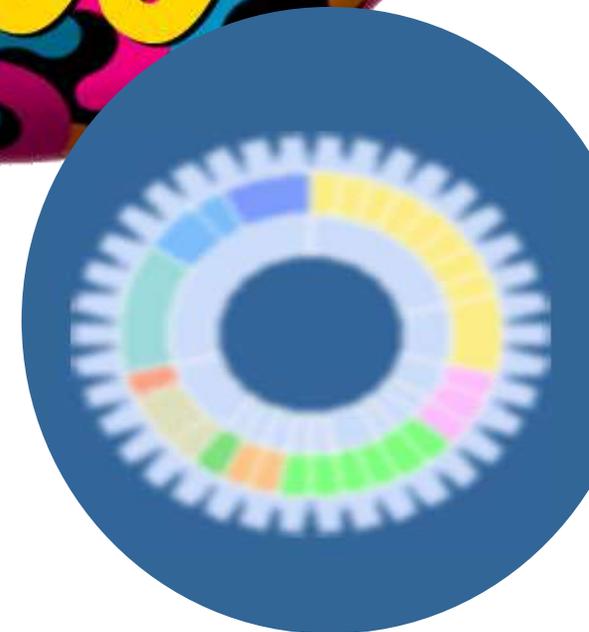
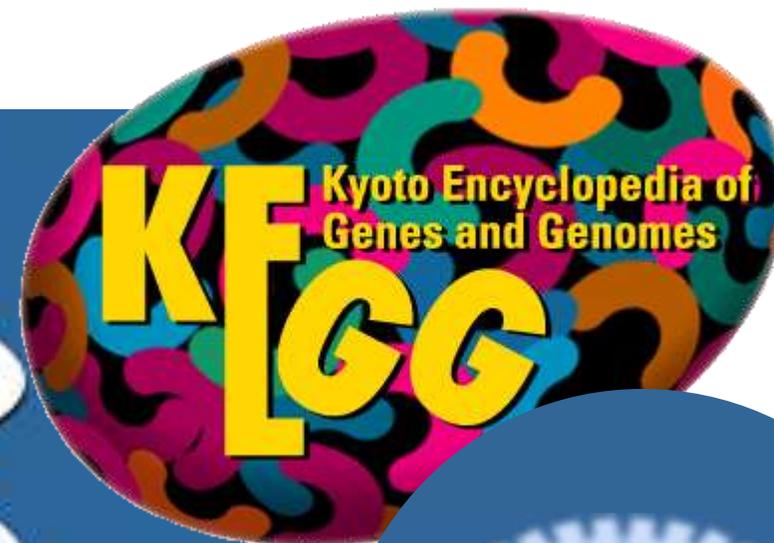


Целью работы является

на основании анализа полных геномов, представленных в NCBI, выявить скорость изменения структурных генов, отвечающих за биосинтез и модификацию липидов, в сравнении с числом генов других групп, и обосновать связь между химическим составом мембран и эволюционной продвинутойостью вида

Теоретическая основа

Основным
источником
информации в
данном исследовании
являются данные из
NCBI



Базы данных, используемые в исследовании:

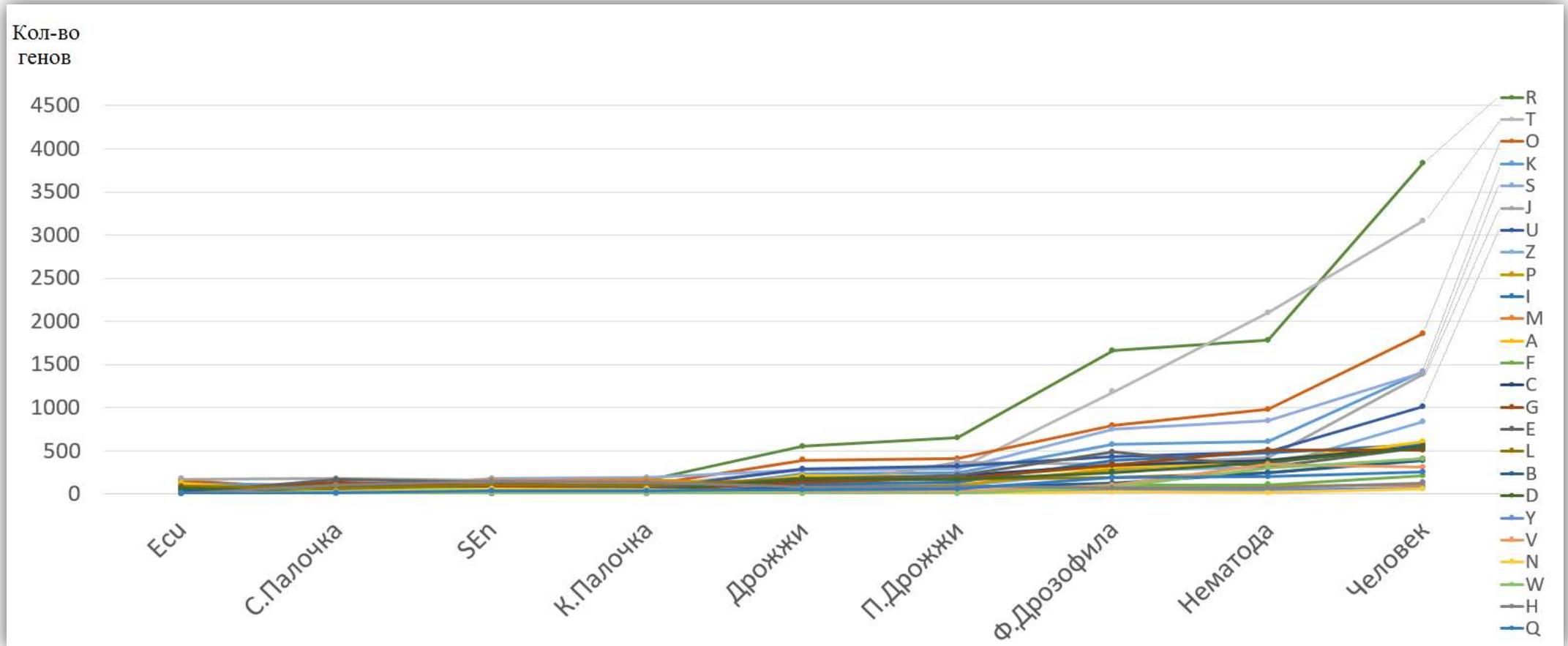
База данных **COG** представляет информацию о филогенетической классификации белков, закодированных в полных геномах

База данных **KEGG** данные о метаболических путях, геномная информация, данные о химических реакциях, происходящих в живых организмах и информация, связанная непосредственно со здоровьем человека

Организмы, представленные в исследовании

Организм	Тип	Другое название	Используемое для графиков
<i>Encephalitozoon cuniculi</i>	Микроспоридии		ЕСu
<i>Bacillus subtilis</i>	Бациллы	Сенная палочка	С.Палочка
<i>Salmonella enterica</i>	Гамма-протеобактерии		SEn
<i>Escherichia coli</i>	Гамма-протеобактерии	Кишечная палочка	К.Палочка
<i>Schizosaccharomyces pombe</i>	Схизосахаромицеты	Дрожжи	Дрожжи
<i>Saccharomyces cerevisiae</i>	Сахаромицеты	Пекарские дрожжи	П.Дрожжи
<i>Nematostella vectensis</i>	Коралловые полипы	Актиния	Актиния
<i>Octopus bimaculoides</i>	Головоногие	Осьминог	Осьминог
<i>Caenorhabditis elegans</i>	Нематоды		Нематода
<i>Anopheles gambiae</i>	Насекомые	Малярийный комар	М.Комар
<i>Drosophila melanogaster</i>	Насекомые	Дрозофила фруктовая	Д.Фруктовая
<i>Salmo salar</i>	Лучепёрые рыбы	Атлантический лосось	А.Лосось
<i>Takifugu rubripes</i>	Лучепёрые рыбы	Бурый скалозуб	Б.Скалозуб
<i>Xenopus laevis</i>	Земноводные	Гладкая шкорцевая лягушка	Лягушка
<i>Alligator mississippiensis</i>	Пресмыкающиеся	Миссисипский аллигатор	М.Аллигатор
<i>Meleagris gallopavo</i>	Птицы	Индейка	Индейка
<i>Loxodonta africana</i>	Млекопитающие	Саванные слон	С.Слон
<i>Sus scrofa</i>	Млекопитающие	Кабан	Кабан
<i>Mus musculus</i>	Млекопитающие	Домовая мышь	Д.Мышь
<i>Chlorocebus sabaeus</i>	Млекопитающие	Зелёная мартышка	З.Мартышка
<i>Homo sapiens</i>	Млекопитающие	Человек	Человек

График отражает изменение численности генов всех групп



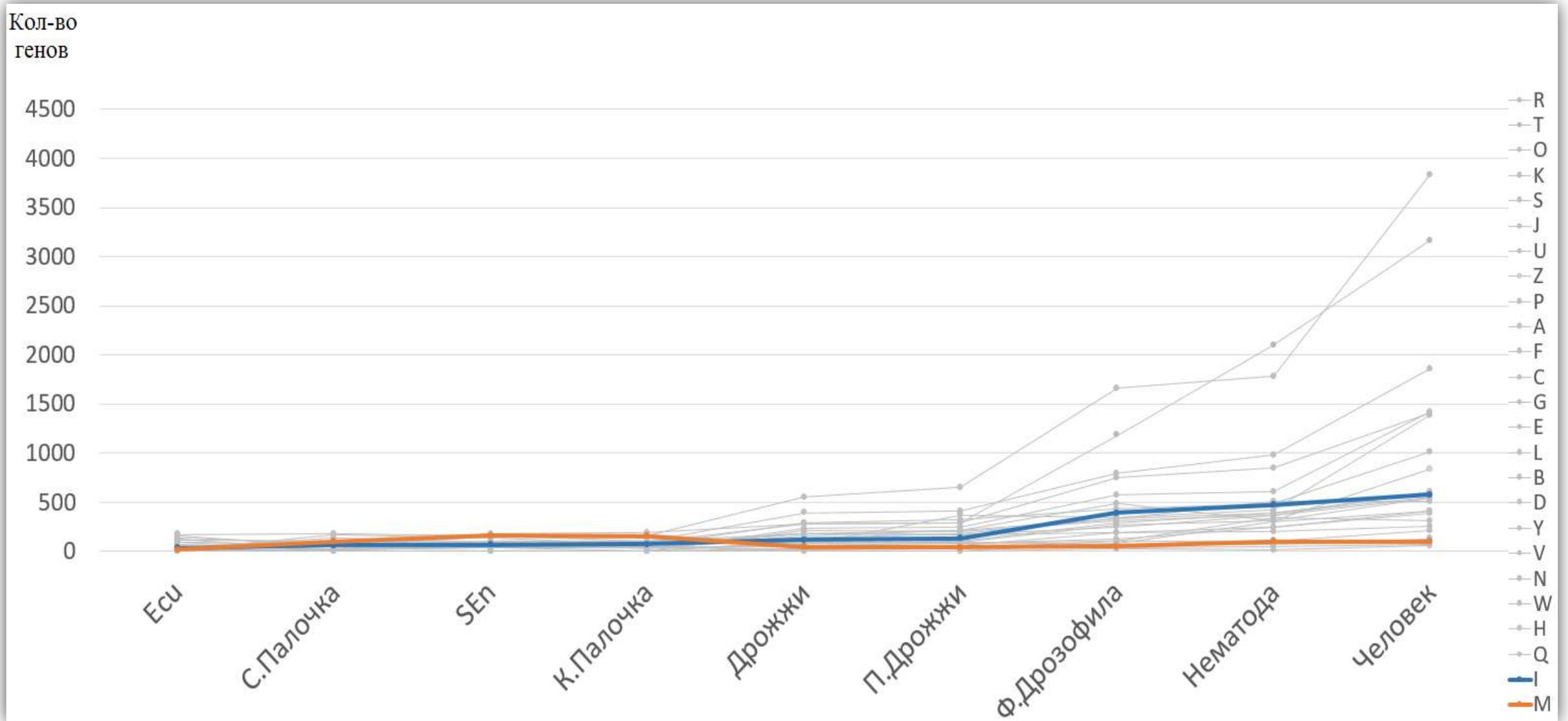
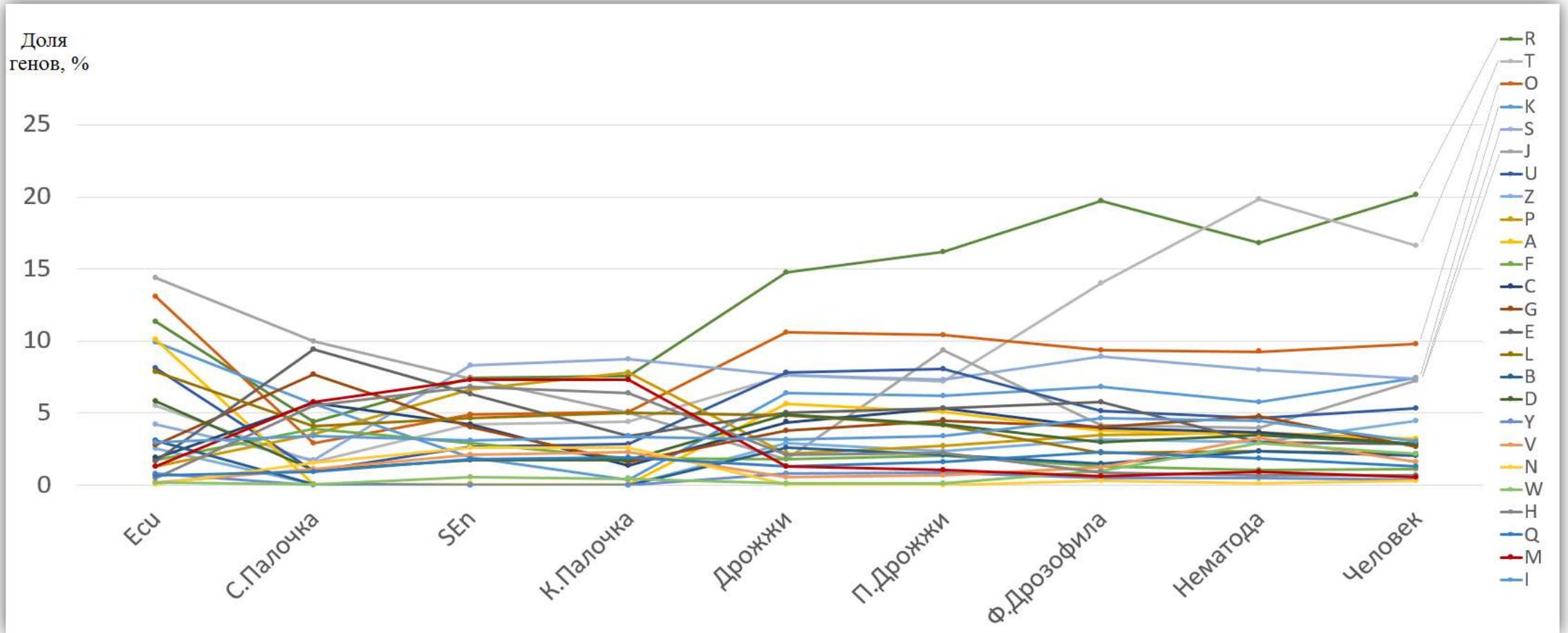
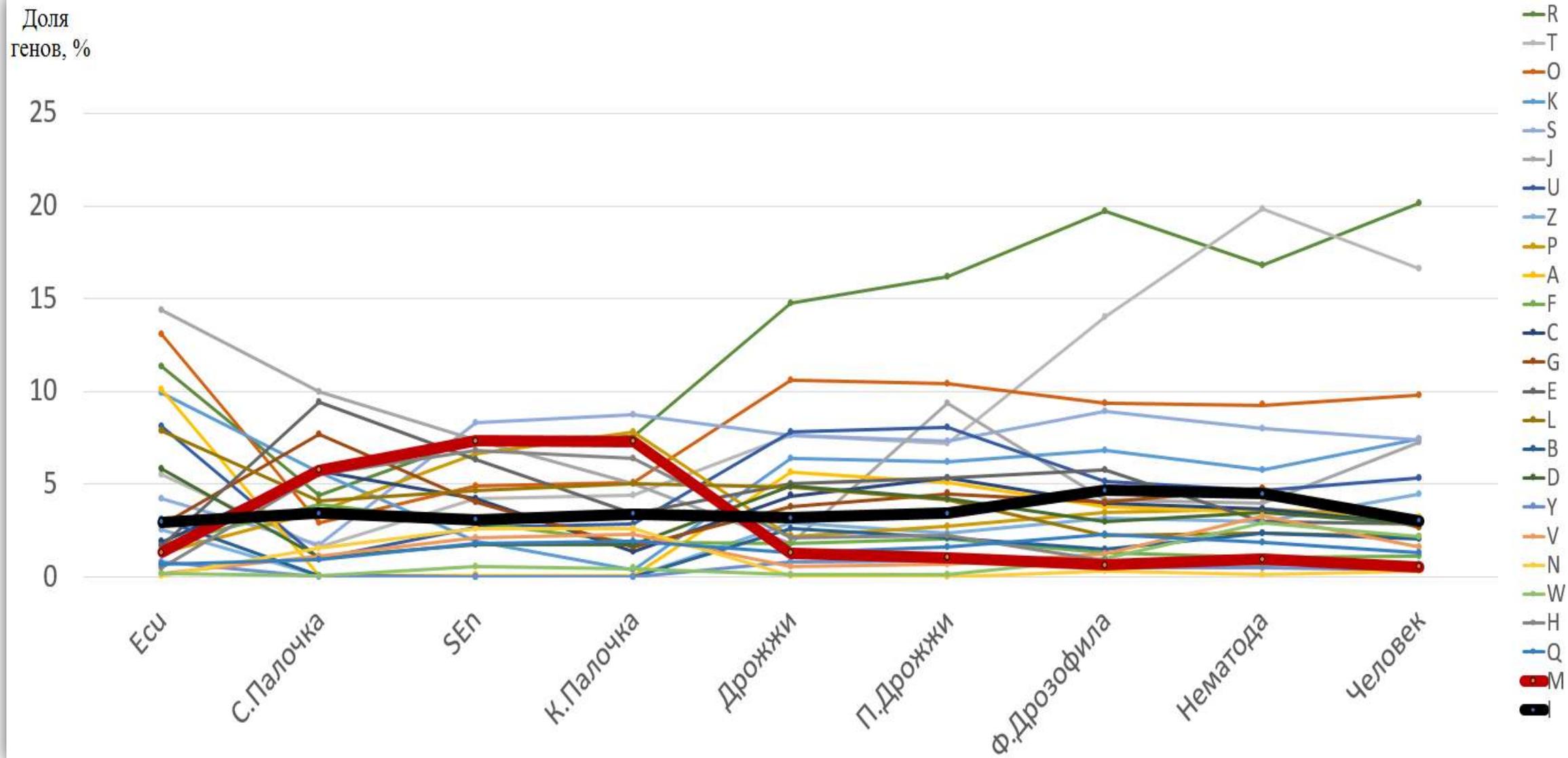
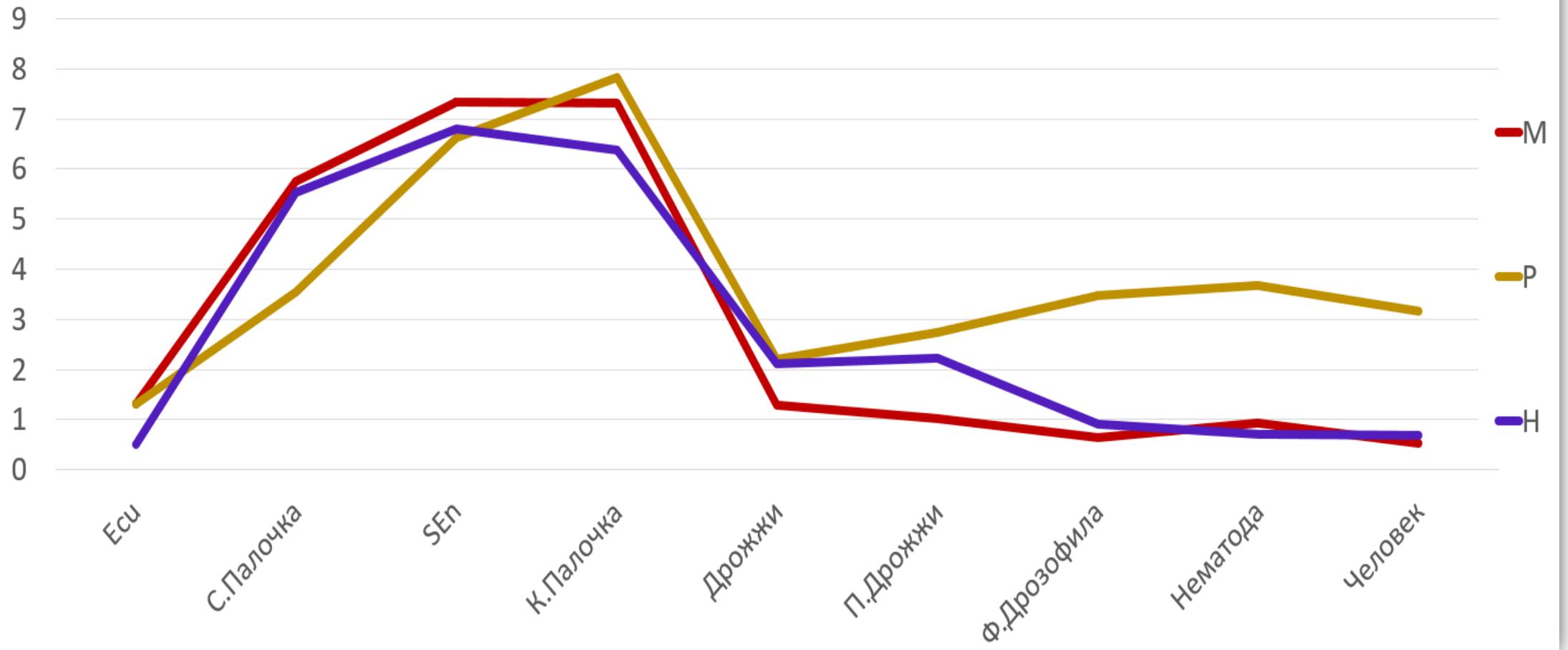


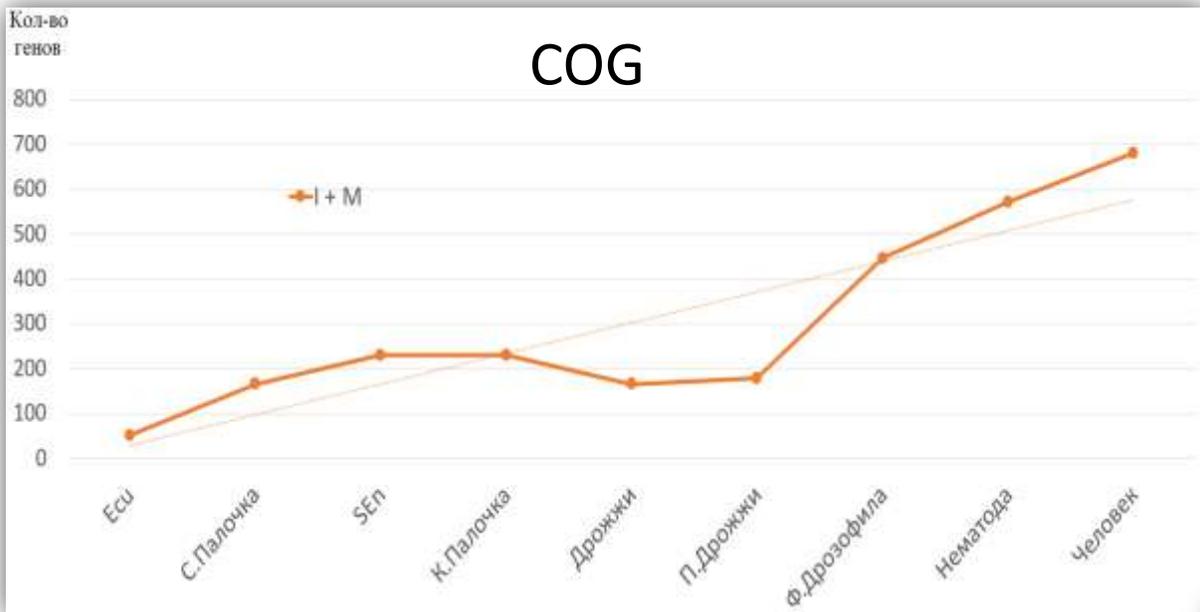
График отражает изменение доли генов всех групп





Доля
генов, %



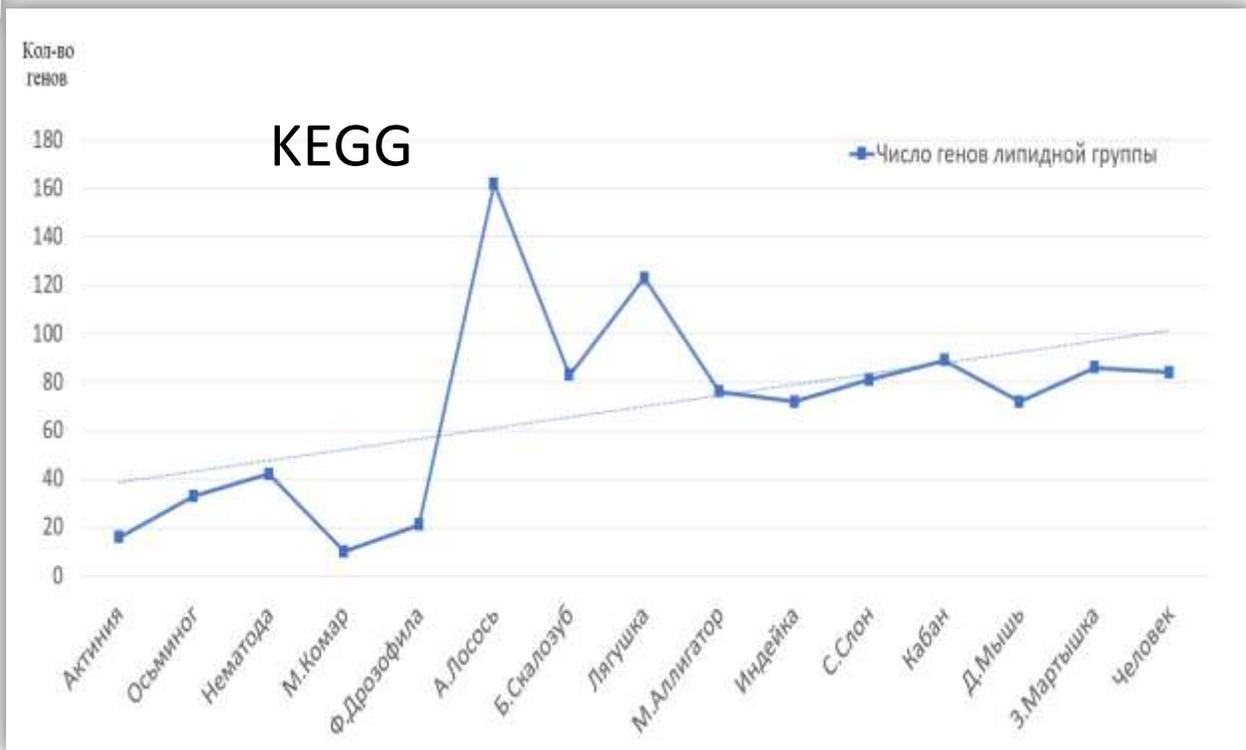


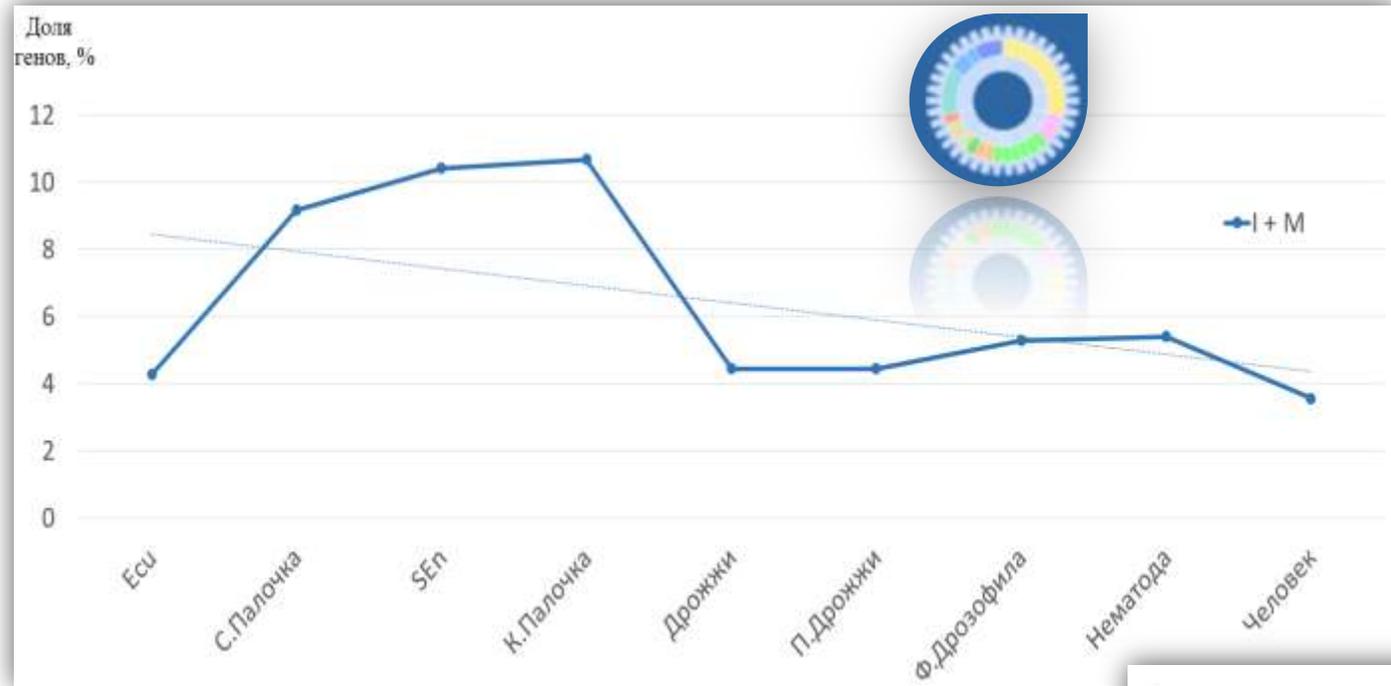
Графики отражают изменение численности генов липидной группы в соответствии с разными базами данных

```

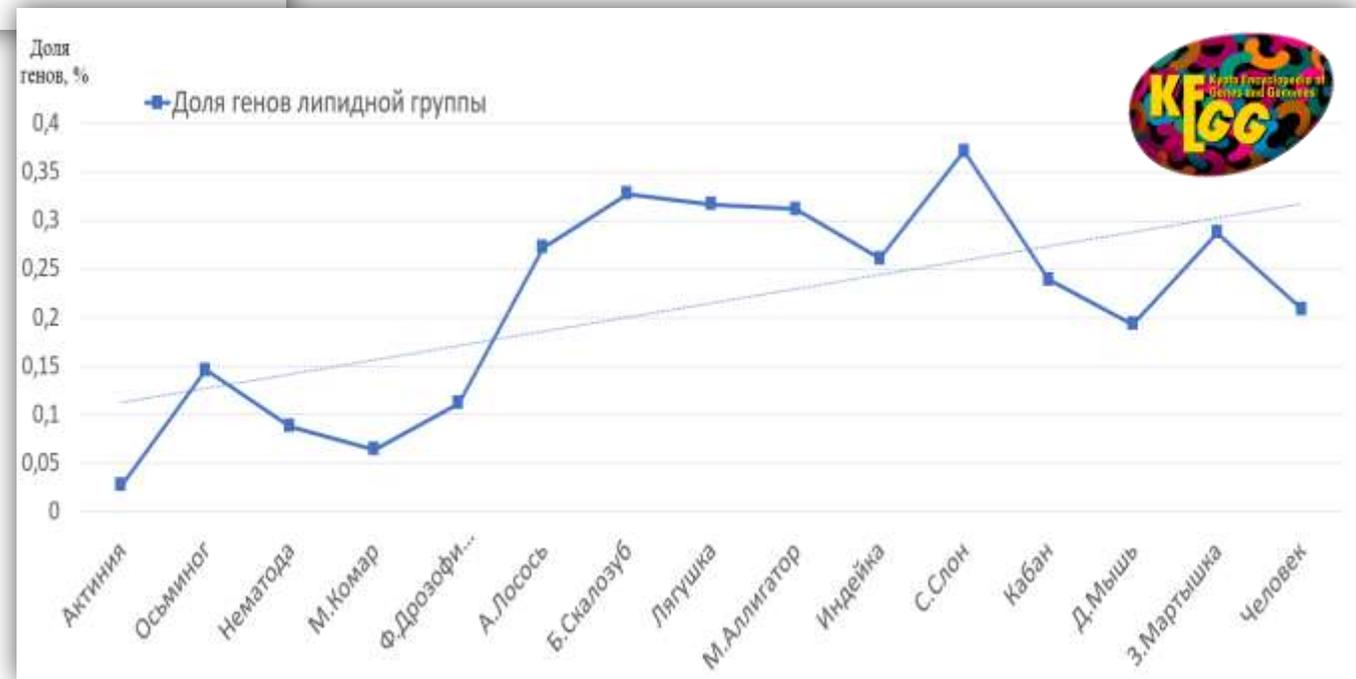
def main(geny):
    #
    controlsum=0
    for gentek in geny:
        rezorgentek=[]
        orgforgentek=[]
        for stroka1 in stroki:
            if gentek in stroka1[0]:
                orgforgentek.append(stroka1[1])
        allorgsgentek=sorted(list(set(orgforgentek)))
        print('for gen= ',gentek, ' organizmov= ',len(allorgsgentek))
    for orgtek in allorgsgentek:
        numingen=0
    
```

Часть программы 2, написанной для систематизации данных



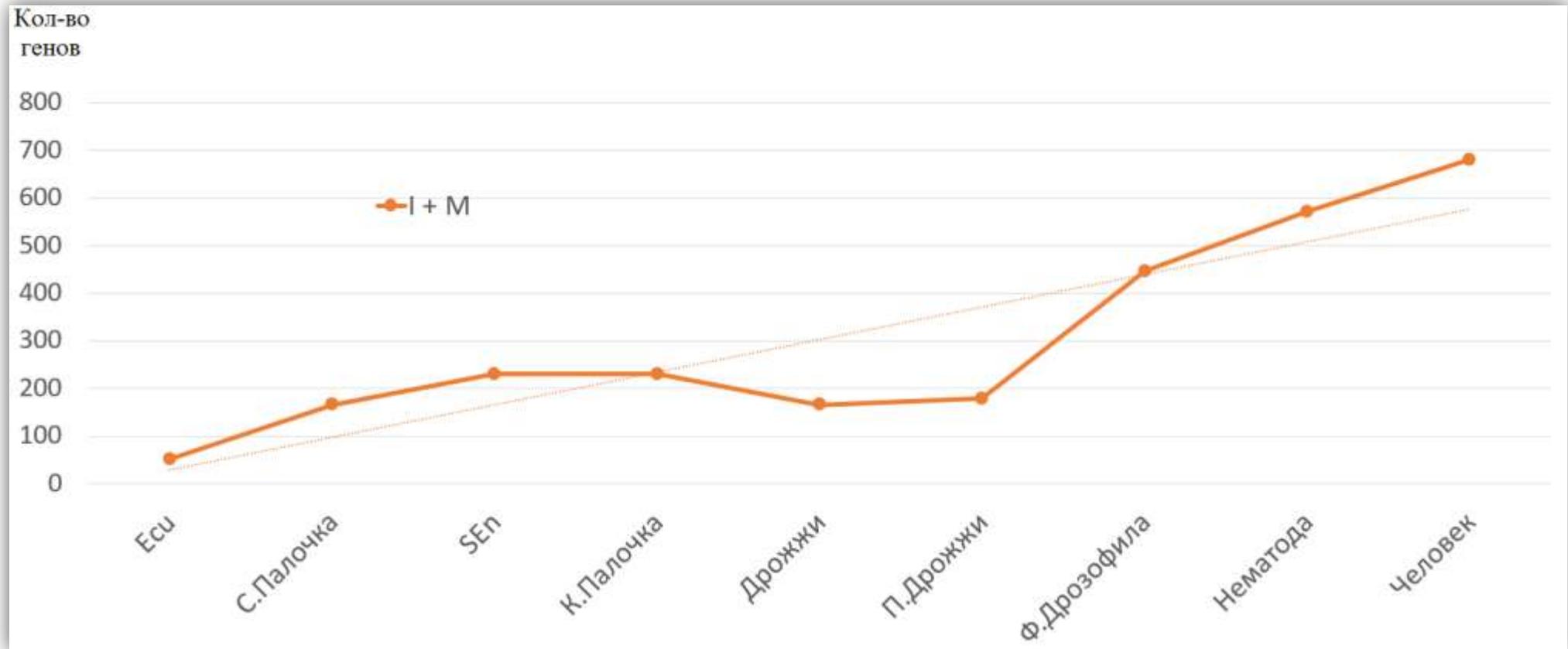


Графики отражают изменение доли генов липидной группы



В итогах исследования следует отметить:

- Количество генов липидной группы последовательно увеличивается в эволюционном ряду



В итогах исследования следует отметить:

- Изменение доли генов группы I в эволюционном ряду не значительно: линия графика стабильна
- Изменение доли генов групп H и P похоже на изменение доли генов группы M

Доклад окончен

Благодарю за внимание



Научные руководители:

Дмитрий Анатольевич **Складнев**
Анна Владимировна **Желтова**

Ведущая организация:

Федеральный исследовательский
центр «Фундаментальной основы
биотехнологии» РАН